农作物微生物组：跨越转化临界点的现代生物技术*



白 洋[1**] 钱景美[1] 周俭民[1] 钱 韦[2**]

1 中国科学院遗传与发育生物学研究所 北京 100101

2 中国科学院微生物研究所 北京 100101

摘要 在微生物组技术体系中，农作物微生物组具有较好的研究基础和广阔的应用前景，已经处于从基础研究成果向田间应用转化的关键时期。目前，该领域在农作物-微生物组-土壤环境之间的相互关系，益生菌及其功能基因对作物生长发育的影响，微生物组改善农作物氮、磷、铁等元素高效吸收，微生物组提高植物先天免疫反应和抗多种环境胁迫等方向取得了突破性的研究进展。发达国家和跨国农业公司在该领域持续加强投入，基于农作物微生物组研究的成熟产品迅速开拓市场，已成功应用于作物栽培和生产。相关技术在减少化学肥料和农药的使用、大幅提高农产品产量与品质方面展现出了巨大的应用前景。我国在农业可持续性发展方面存在农药肥料滥用、环境污染、病害威胁严重等重大问题，农作物微生物组学及相关技术的发展将为解决这些问题提供强有力的技术支撑。为此，我国亟待在农作物微生物组项目规划、人才队伍培养、创新价值链培育和产业化方面进行调整，促进农作物微生物组的研究和技术发展，为保障国家粮食安全和食品安全作出重大贡献。

关键词 农作物微生物组，绿色农业，营养高效，抗病虫害，产业化

DOI 10.16418/j.issn.1000-3045.2017.03.006

1 农作物微生物组的概念以及与农业发展的关系

自然界中，正常生长的农作物表面（包括地上和地下部分）和作物内部富集了数量庞大且种类繁多的微生物。这些微生物的集合被称为农作物微生物组[1]。这些微生物编码了比宿主植物更多的基因，通过协作和竞争形成稳定的群落结构，对作物生长发育、抗病、抗逆至关重要。目前对这些微生物的认识还比较片面，主要集中在根瘤菌、丛枝菌根和某些病原菌上，只是农作物微生物组中很小的一部分。人类对于绝大部分农作物根系和叶片微生物还并

*资助项目：中科院战略性先导科技专项（B类）（XDB11020700、XDB11020200、XDB11040700）

**通讯作者

修改稿收到日期：2017年3月3日

不了解（图1）[2]。此外，由于研究技术手段的限制，传统主要开展依赖于实验室条件下农作物与单一微生物互作关系的研究，很少在自然状态下研究微生物组与宿主植物共存的机制。农作物微生物组学研究把与农作物相关的所有微生物在群落水平作为一个整体，探究其如何影响农作物的各项生理功能，同时更加关注微生物之间以及微生物群落与宿主之间的相互作用。

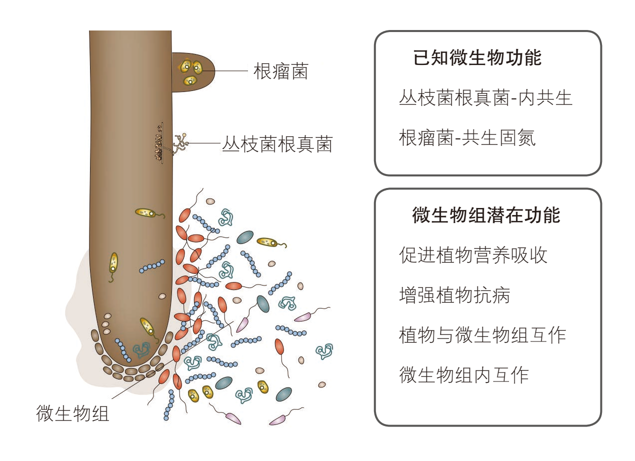


图1　根系微生物组及其潜在功能

农作物微生物组与农业发展密切相关，已经成为当前生命科学的热点前沿之一。中国古代，人们就开始考虑利用轮作和间作，提高土壤肥力，避免病害。最新的研究表明，这些合理的耕作方式都与农作物微生物组的动态平衡相关[3]。在微生物组学的发展推动下，国际重要农业公司，如孟山都（Monsanto）、科汉森（Chr. Hansen）、拜耳作物科学（Bayer CropScience）和诺维信（Novozymes）等已将其作为重点研究和开发的领域，并且已经形成了相对成熟的产业链。据不完全统计，仅2015年，上述主要国际农业公司投入作物微生物组的研发经费已经达到20亿美元。

2 农作物微生物组为解决现代农业问题提供了新思路

中国是世界上首屈一指的农业大国，在粮食增产、食品安全、化肥农药高效用量过度、农业废弃物污染、连年耕作土传病害严重等方面承压较重，亟需重大农业生物技术的突破和替代应用。农作物微生物组为解决这些问题提供了全新的角度和思路。因此，我们亟待调整相应的项目和产业支持政策、加大投入力度，力争在这一新兴农业生物技术领域取得快速突破，为保障国家粮食和食品安全作出重要贡献。

2.1 减少化学肥料的过度使用

为了保证作物产量，中国的化肥用量逐年提高，但利用效率仅为30%左右。滥用化肥严重污染了生态环境，对食品安全造成重大影响。目前农业生产中主要以培育新品种的方式来提高作物营养吸收效率，但存在育种周期长、成本高等问题。根系微生物在植物吸收氮（N）、磷（P）等营养元素的过程中起着重要的作用。除了根瘤菌帮助植物固氮和丛枝菌根促进磷吸收之外，随着微生物组技术的发展，人们发现其他根系细菌和真菌也参与了植物固氮和吸收磷元素的过程[4,5]。近期，我们还发现了能帮助植物吸收铁（Fe）元素的全新益生菌。因此，系统研究农作物微生物组在宿主植物氮、磷、铁等重要元素营养吸收方面的功能，可以让我们更好地了解农作物营养吸收过程，发现更多的益生菌，从而提高农作物的营养吸收效率，减少化学肥料的使用。

2.2 避免农药的滥用

中国化学农药的用量占全球的1/3。化学农药的过度使用影响环境中的生物多样性并给人们的健康生活带来安全威胁，如“三致”（致畸、致癌、致突变）作用、生殖功能受损等，目前缺乏有效的解决方案。化学农药在使用过程中容易引起抗药性，成本高且破坏生态环境。而从微生物组的角度入手则为解决这一问题提供了新的思路和方向：通过微生物组对土壤进行改造，增加土壤中的拮抗菌，从而对土壤中的病原菌进行抑制。研究表明，在土壤环境中进行生物防治时，发挥有效作用的微生物类群较为复杂，多种益生菌与宿主植物之间存在复杂的作用关系[3]。我们的初步结果表明，植物根系益生菌群落可以稳定地促进植物在有尖孢镰刀菌或大丽轮枝菌的环境中生长。生物防治研究重点已经由利用单一微生物菌株转向了利用微生物组。因此，在探究根系微

生物组功能的基础上，对其进行人工重组和精准移植，能够为解决农药污染带来的生态环境问题提供新思路。

2.3 为解决连作障碍提供新手段

中国耕地面积逐年减少，耕种条件限制严重，不得不实施连作制度，导致了病害严重和土壤肥力逐年下降等问题。例如：主要植棉区新疆的棉花黄萎病、中药材三七的土传病害等都是在连作过程中产生的严重病害，影响了当地农业的可持续发展。目前的解决方法主要包括换土、拔除病株、种子处理等方式，但成本高、效果差。最新的研究表明，连作病害发生的主要原因就是土壤生态环境中微生物组的失衡。比如大豆连作病原菌青枯拉尔氏菌的爆发的主要原因是根系微生物组中，以假单胞菌为主的益生菌群落的密度下降[3]。所以，农作物微生物组研究对改善土壤生态环境，克服连作土壤中微生物群落失衡引起的连作障碍非常重要。

2.4 缓解农业废弃物污染

农业废弃物的处理是农业生产中已经凸现的严重环境问题。农用塑料在生产上有着重要作用，如塑料农膜、节水灌溉系统等，为农业、林业、畜牧业发展作出了巨大贡献，然而大量塑料因此残留在农田、林区和水林中，不断积累，逐渐形成隔断层，造成"白色污染"，影响作物根系对水肥的吸收和作物生长发育，制约了农业的发展。最新的研究表明，土壤微生物可以通过活性酶高效降解农业残存塑料，为处理农业废弃物提供了全新的思路[6,7]。通过对废物回收过程中的微生物组协同作用的研究，可实现对农业废弃物的高效处理，低碳环保。

2.5 从全新角度帮助农作物的改良

传统育种过程中，大面积种植单一作物品种，单纯追求产量提高的同时，造成了抗逆性下降、抗病性减弱等问题，很难使高产和抗逆性状并存。有益微生物则可能从独立于宿主的角度帮助植物提高抗病抗逆能力，如果与传统育种方式相结合，就可能从全新的角度加快育种速度，提高农作物的产量和品质。

3 国内外农作物微生物组的研究现状

近 5 年以来，随着高通量测序、规模化微生物分离鉴定和微生物组学研究技术的发展，农作物微生物组学已成为国际科研的前沿领域之一。目前已经获得拟南芥及其近缘种、玉米、大麦、葡萄、莴苣、马铃薯、番茄、水稻、甘蔗、豌豆等农作物以及特殊环境植物（如怪柳等）的微生物组群落结构信息。农作物微生物组主要包括细菌、真菌、卵菌、藻类、原生生物、古生菌以及病毒等，其中细菌主要包括变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和厚壁菌门[8-12]。农作物微生物组主要受地理环境、物种类型、基因型等因素的影响[5,13]。目前农作物微生物组分析已经进入到了功能研究阶段，即从已知的微生物各类中分离重要种类，研究它们在作物生长发育过程中的重要性。在此基础上，该领域已经开始对微生物群落进行人工模拟和体系重建。研究表明，目前可培养 64% 的根系以及 47% 的叶片细菌群落主体，并能够在实验室中模拟自然情况下植物微生物群落的形成及演化过程[14]。该重组体系与测序手段相结合，为研究农作物微生物组在宿主植物营养吸收、抗病抗逆、生长发育等各项生理过程中的作用铺平了道路，为微生物组学从描述性研究到功能性研究的过渡打下基础（图 2）。

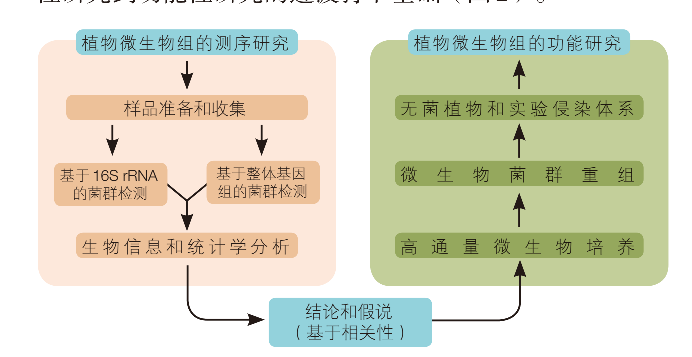


图 2 植物微生物组功能研究的技术路线

作物微生物组的研究已经进入到产业化阶段，受到了国际生物农业公司的重点关注。孟山都最近花费数十亿美元购买微生物组和生物肥料相关的公司：诺维信控股的 TJ Technology 公司开发了一个名为 QuickRoots

的菌剂产品，该产品是在对作物根际微生物组进行规模化分析的基础上，分离并将 2 种可培养微生物，即解淀粉芽孢杆菌（Bacillus amyloliquefaciens）和绿木霉菌（Trichoderma virens）进行科学配比与成分优化，以种子包衣的形式推向市场。QuickRoots 产品能够改善作物在苗期的营养元素供给，目前其系列产品可应用于小麦、玉米、大豆、油菜和牧草等主要农作物。由于田间应用效果非常稳定，以小麦为例其增产量可达 220—250 kg/ha 左右。TJ Technology 公司于 2014 年以 3 亿美元的市场价格将该技术转移给了孟山都。仅此一例可见农作物微生物组技术的应用潜力和市场规模。最近，欧盟和美国都启动了的作物微生物组重点研究项目，加大对作物微生物组基础和应用基础的研究。

4 对提升发展我国农作物微生物组研究的政策建议

农作物微生物组研究发展的战略目标，是利用微生物组技术减轻现代农业对化肥、农药和除草剂的严重依赖，同时大幅提高作物的产量和品质，实现农业的可持续发展。我国农业面临人口压力大、化肥农药滥用和农业环境污染严重等问题，上述目标对于解决我国农业生产中存在着的重要技术障碍具有显而易见的现实意义。因此，我们提出 5 点政策建议。

4.1 重视农作物微生物组在现代生命科学研究和技术发展中的先导地位

与微生物组其他领域相比，农作物微生物组研究具有非常明显的研究特点。首先，经过多年对土壤和作物根系微生物区系开展的微生物区系、生态学和土壤宏基因组等研究，该领域已经具有较好的研究基础。其次，由于农业微生物技术在应用环节里的伦理和产业障碍相对较少，技术应用对社会、经济的影响显著，其成果产出和转化速度非常快，是整个微生物组研究体系中最容易突破和产出实际成果的领域之一，在战略布局时应重视该领域研究内容的设置。但目前该领域尚存在研究目的性不强、数据收集分析零散化和多学科交叉研究领域合作不够充分等问题。在未来微生物组研究的战略布局中，需要对研究目标进行进一步凝聚，以解决我国重要作物（如水稻、小麦、棉花、大豆等）生产过程中实际存在着的连作障碍、病害猖獗、化肥农业滥用和地力下降等问题为突破口，组织开展相应的项目研究，打造科学问题在田间、分析解决在实验室、先进技术造福三农的创新价值链。

4.2 从重要农作物入手，重视农作物微生物组资源的收集、保藏和数据库建设

我国作物品种多样，农业生态环境多样化程度较高，情况复杂。以水稻为例，栽培面积从东北到海南共 6 个主要稻作区，跨越多个气候带，海拔从 0—2 600 m，土壤类型包括红壤、棕壤、黑土、褐土、盐碱土等，产量、品质差异大。这些农田环境中包含着丰富的微生物组资源。因此，应在国家层面建立我国重要作物典型农田生境和作物根际微生物资源的收集、保藏和分析体系，加强微生物资源的基础调查与科学分析工作，为下一步的功能微生物组学分析提供研究材料。同时，加强中国典型农田生态系统的微生物组大数据分析和数据库建设工作，为微生物组资源的收集、评价和分离筛选打好资源基础。

4.3 重视功能微生物组学和植物–微生物组相互作用的研究

在农作物微生物组资源收集和评价的基础上，功能微生物组学及植物-微生物组相互作用的研究不但是生命科学前沿领域的代表性学科，也是产生基础研究成果，带动生物技术发展与应用的关键环节。与作物-环境相互作用研究领域不同，作物-微生物的相互作用涉及多种生命活动的过程和它们之间相互影响、相互促进和相互抑制的复杂关系，理解这些互作关系的生物学本质是发展微生物技术的科学保证。在未来的学科布局中，应进一步重视该领域的人才队伍建设和项目投入，着重对作物-微生物组相互作用关系中，营养物质、生长调节化合物、信号分子等物质流和信息流进行深入分析，理解生物互作过程的分子生物学和生物化学基础，从而为人工设计或合成“理想微生物组”提供科学依据。

4.4 重视农作物微生物组先进技术的应用和产业化

与孟山都等跨国公司相比，我国农业公司的规模和创新研发实力还存在不少差距。例如，先正达公司（Syngenta）目前的市值已近400亿美元，每年投入的研发经费近10亿美元，接近我国科学技术部或国家自然科学基金委员会每年预算总额的1/4。与之相比，我国农业科技的龙头企业之一隆平高科的市值仅约35亿美元，每年投入的研发经费约0.8亿元人民币。在目前这种情况下，我国发展先进农业生物技术仍然采取了以政府投入为主，公益性科研机构与公司良性合作的方式进行。为了鼓励和促进资源的市场配置，需要在产业政策上支持有创新能力的农业公司加大对微生物组技术的研发投入，逐步改变技术发展由政府主导的发展模式；同时，也应鼓励实业界与科学界的实质性合作，使农业实际生产问题与微生物组基础研究问题之间进行良性互动，扩大研究资助的来源，促进该领域的快速发展。

4.5 培养创新性、多学科、多元化的新型人才

当前，对科学研究的人才也提出了较高要求。研究过程中需要涉及到植物学、微生物学、基因组学、生物信息学等多方面背景，因此要求人才具有多个学科交叉的知识，同时具有快速学习和接受信息的能力，并对轻重缓急有着自己的态度和分辨，才能带领整个学科昂首向前。

致谢 感谢中科院遗传与发育生物学所刘永鑫、姜婷参与本文的资料整理工作。

参考文献

1 Müller D B, Vogel C, Bai Y, et al. The plant microbiota: Systems-level insights and perspectives. Annu Rev Genet, 2016, 50: 211-234.

2 Philippot L, Raaijmakers J M, Lemanceau P, et al. Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere. Nat Rev Microbiol, 2013, 11(11): 789-799.

3 Mendes R, Kruijt M, de Bruijn I, et al. Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. Science, 2011, 332(6033): 1097-1100.

4 Hiruma K, Gerlach N, Sacristán S, et al. Root endophyte colletotrichum tofieldiae confers plant fitness benefits that are phosphate status dependent. Cell, 2016, 165(2): 464-474.

5 Zgadzaj R, Garrido-Oter R, Jensen D B, et al. Root nodule symbiosis in Lotus japonicus drives the establishment of distinctive rhizosphere, root, and nodule bacterial communities. Proc Natl Acad Sci USA, 2016, 113(49): E7996-E8005.

6 Brodhagen M, Peyron M, Miles C, et al. Biodegradable plastic agricultural mulches and key features of microbial degradation. Appl Microbiol Biotechnol, 2015, 99(3): 1039-1056.

7 Krueger MC, Harms H, Schlosser D. Prospects for microbiological solutions to environmental pollution with plastics. Appl Microbiol Biotechnol, 2015, 99(21): 8857-8874.

8 Bulgarelli D, Rott M, Schlaeppi K, et al. Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota. Nature, 2012, 488(7409): 91-95.

9 Lundberg D S, Lebeis S L, Paredes S H, et al. Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome. Nature, 2012, 488(7409): 86-90.

10 Schlaeppi K, Dombrowski N, Oter R G, et al. Quantitative divergence of the bacterial root microbiota in *Arabidopsis thaliana* relatives. Proc Natl Acad Sci USA, 2014, 111(2): 585-592.

11 Edwards J, Johnson C, Santos-Medellín C, et al. Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice. Proc Natl Acad Sci USA, 2015, 112(8): E911-E920.

12 Hacquard S, Garrido-Oter R, González A, et al. Microbiota and host nutrition across plant and animal kingdoms. Cell Host Microbe, 2015, 17(5): 603-616.

13 Lebeis S L, Paredes S H, Lundberg D S, et al. Salicylic acid modulates colonization of the root microbiome by specific bacterial taxa. Science, 2015, 349(6250): 860-864.

14 Bai Y, Müller D B, Srinivas G, et al. Functional overlap of the *Arabidopsis* leaf and root microbiota. Nature, 2015, 528(7582): 364-369.

Crop Microbiome: Breakthrough Technology for Agriculture

Bai Yang[1] Qian Jingmei[1] Zhou Jianmin[1] Qian Wei[2]

(1 Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China;

2 Institute of Microbiology, Chinese Academy of Science, Beijing 100101, China)

Abstract Plant microbiomics is an emerging research field that aims to solve scientific problems in plant-microbe interactions and facilitates the development of creative agricultural biotechnology. In recent years, achievements have been made in deciphering the relationships among crop-microbiome-soil, improving nutrition supply and plant development by microbes, and enhancing plant adaptive responses to defend multiple biotic or abiotic stresses. Developed by researchers and successfully applied in the field, microbiome-based biotechnologies have exhibited promising potential in agriculture by decreasing the usage of chemical fertilizers and pesticides, and increasing the crop production. To reach to a sustainable agriculture, China has to reinforce the financial support to the projects of microbiomics and adjust its R & D policy to improve the translational research in the critical area.

Keywords crop microbiome, sustainable agriculture, nutrient use efficiency, disease and pest resistance, industry development

白 洋 中科院遗传与发育生物学所研究员、博士生导师。2005年毕业于武汉大学，2007年获得武汉大学植物发育生物学硕士学位，2010年在德国科隆大学获得植物发育生物学博士学位，2011—2015年博士后期间在德国马克斯普朗克植物育种研究所进行植物根系微生物组学的研究。2016年5月至今，任中科院遗传与发育生物学所研究员。2017年入选中组部“青年千人计划”。目前主要研究根系微生物组在植物抗病抗逆、营养高效等过程中的功能。

E-mail: ybai@genetics.ac.cn

Bai Yang Principle Investigator in the institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Science (CAS). He received B.S. and M.S. degree at Wuhan University for plant developmental biology in 2005 and 2007 respectively. He achieved his Ph.D. at Cologne University in Germany in 2010. Then, he worked on plant root microbiome in Max Planck Institute for Plant Breeding Research as a postdoc. He joined Institute of Genetics and Developmental Biology, CAS, as Principal Investigator in 2016. He was elected into “Thousand Youth Talent Program” in 2017. He is mainly working on root microbiota’s functions in plant disease resistance, stress tolerance and nutrient uptake.

E-mail: ybai@genetics.ac.cn

钱 韦 男，中科院微生物所研究员，博士生导师，植物基因组学国家重点实验室副主任。1994年毕业于云南大学生物系，1997年获云南大学生态学硕士学位，2000年获中科院植物所植物学博士学位，2000—2003年在中科院微生物所从事博士后研究。2003年至今，中科院微生物所助理研究员、副研究员、研究员。主要从事植物病原细菌致病分子机制的研究。E-mail: qianw@im.ac.cn

Qian Wei Male, Principal Investigator of the Institute of Microbiology, Chinese Academy of Science (CAS), and deputy-director of State Key Lab of Plant Genomics. Qian received his B.S. and M.S. degree from Department of Biology, Yunnan University, China in 1994 and 1997, and achieved his Ph.D in Institute of Botany, CAS, in 2000. He worked as a postdoc in the Institute of Microbiology, CAS, from 2000 to 2003. Since 2003, he has been working with Institute of Microbiology, CAS, as an assistant professor, associated professor and full professor. He mainly works on the mechanism of plant pathogen invasion. E-mail: qianw@im.ac.cn